

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO PAMPA
CAMPUS ITAQUI
CURSO DE GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA**

MAURÍCIO DA CRUZ BARZ

**REVISÃO SISTEMÁTICA DE ESTUDOS DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SUA
ASSOCIAÇÃO COM VIGOR HÍBRIDO EM AVEIA BRANCA**

TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

**Itaqui, RS, Brasil
2021**

MAURÍCIO DA CRUZ BARZ

**REVISÃO SISTEMÁTICA DE ESTUDOS DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SUA
ASSOCIAÇÃO COM VIGOR HÍBRIDO EM AVEIA BRANCA**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Agronomia da Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA), como requisito parcial para obtenção do grau de **Engenheiro Agrônomo**.

Orientadora: Prof. Dr^a. Adriana Pires Soares Bresolin

**Itaqui, RS, Brasil
2021**

Ficha catalográfica elaborada automaticamente com os dados fornecidos pelo(a) autor(a) através do Módulo de Biblioteca do Sistema GURI (Gestão Unificada de Recursos Institucionais).

B223r Barz, Maurício da Cruz

Revisão sistemática de estudos da divergência genética e sua
associação com vigor híbrido em aveia branca / Maurício da
Cruz Barz.

34 p.

Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) -- Universidade Federal
do Pampa, AGRONOMIA, 2021.

"Orientação: Adriana Pires Soares Bresolin".

1. Distância genética. 2. Heterose. 3. Avena sativa L. I. Título.

MAURÍCIO DA CRUZ BARZ

REVISÃO SISTEMÁTICA DE ESTUDOS DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SUA ASSOCIAÇÃO COM VIGOR HÍBRIDO EM AVEIA BRANCA

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Curso de Graduação em Agronomia da Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA), como requisito parcial para obtenção do grau de **Engenheiro Agrônomo**.

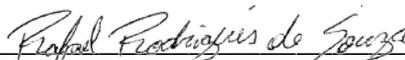
Trabalho de conclusão de curso defendido e aprovado em: 22 de setembro de 2021.
Banca examinadora:



Prof. Dr.ª Adriana Pires Soares Bresolin
Orientador
Curso de Agronomia - Unipampa, Campus Itaqui



Prof. Dr. Anderson Weber
Curso de Agronomia – Unipampa, Campus Itaqui



Msc. Rafael Rodrigues de Souza
Universidade Federal de Santa Maria – UFSM

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho aos meus amados pais, Márcia Barz e Luciano Barz e minha amada noiva Juliane Oliveira, maiores incentivadores e fontes inesgotáveis de apoio, amor e compreensão.

AGRADECIMENTO

Agradeço, primeiramente a Deus, que em toda esta caminhada me acompanhou, me dando força e ânimo para seguir em frente, sem o qual nada teria feito.

Agradeço a minha família, minha mãe Márcia, meu pai Luciano, por todo suporte e apoio.

Agradeço a minha noiva Juliane, a qual me foi companheira nesta empreitada, pelo incentivo, carinho e apoio o qual necessitei, pela qual prossegui, mesmo achando que não mais podia.

A minha orientadora Prof. Dr.^a Adriana Pires Soares Bresolin pelo apoio, incentivo e pelo aprendizado que tive com ela, sempre disposta a auxiliar e ajudar no meu crescimento acadêmico, pelo esforço que ela dedicou no auxílio da construção deste trabalho.

Agradeço a Universidade Federal do Pampa, por proporcionar um ensino de qualidade a todos os estudantes, por ser uma instituição reconhecida por seu mérito, por possibilitar o acesso ao restaurante, biblioteca, laboratórios, sala de informática e demais estruturas que contribuem para a permanência e formação acadêmica.

Aos meus professores da graduação e da vida, agradeço pelo conhecimento compartilhado, por serem profissionais essenciais a nossa sociedade e uma fonte de inspiração e admiração para mim.

A todos que contribuíram para a minha formação acadêmica e pessoal, gratidão.

EPÍGRAFE

“Só é verdadeiramente digno da liberdade, bem como da vida, aquele que se empenha em conquistá-la.”

Johann Goethe

REVISÃO SISTEMÁTICA DE ESTUDOS DA DIVERGÊNCIA GENÉTICA E SUA ASSOCIAÇÃO COM VIGOR HÍBRIDO EM AVEIA BRANCA

A aveia-branca (*Avena sativa* L.) apresenta grande importância como cultura alternativa de inverno com uma ampla área de cultivo no Brasil, principalmente na região Sul do País. A avaliação da dissimilaridade genética é uma ferramenta importante para auxiliar na seleção de cultivares, uma vez que permite maior praticidade na identificação de genótipos com as características desejadas, atendendo a necessidade de que o melhoramento seja dinâmico, rápido e economicamente eficiente. Desse modo, essa pesquisa tem como objetivo analisar dados existentes na literatura científica acerca do efeito da dissimilaridade genética, sobre a heterose em aveia branca. Para isso, realizou-se uma revisão sistemática da literatura a partir da seleção e leitura criteriosa dos artigos, teses e dissertações encontradas nas bases de dados, sendo selecionada apenas a literatura que atendia aos critérios de inclusão definidos neste estudo. Foram incluídas apenas as publicações que responderam à questão do estudo, publicadas no período de 1992 a 2020, no idioma português e inglês, todos os tipos de delineamentos metodológicos foram aceitos. Os resultados obtidos a partir dessa pesquisa bibliográfica demonstram que o conhecimento do nível de dissimilaridade genética entre os parentais é fundamental na exploração da heterose. No entanto, este não deve ser o único fator a ser considerado. A capacidade combinatória dos genitores é que irá definir o maior ganho heterótico. Estudos envolvendo várias análises simultaneamente como, análises morfológicas, bioquímicas e moleculares, apresentam grande importância, pois, permitem avaliar a dissimilaridade genética de forma mais eficaz, minimizando os erros de avaliação. Entre os marcadores moleculares destaque para os Simple Sequence Repeats (SSRs), os quais, tem se apresentado como uma ferramenta de grande utilidade na determinação da divergência genética entre cultivares de aveia branca, com a grande vantagem de não sofrerem influência ambiental. Desta forma, concluímos que a análise da dissimilaridade genética é de fundamental importância na escolha de genitores a fim de exploração do vigor híbrido em aveia branca.

Palavras-chave: Distância genética, Heterose, *Avena sativa* L.

SYSTEMATIC REVIEW OF STUDIES OF GENETIC DIVERGENCE AND ITS ASSOCIATION WITH HYBRID VIGOR IN WHITE OAT

The white oat (*Avena sativa* L.) has great importance as an alternative winter crop with a wide area of cultivation in Brazil, especially in the southern region of the country. The evaluation of genetic dissimilarity is an important tool to assist cultivars selection, since it allows greater convenience in identifying genotypes with desired characteristics, meeting the need for dynamic, fast and economically efficient breeding. Thus, this research aims to analyze existing data in the scientific literature about the effect of genetic dissimilarity on heterosis in white oats. For this purpose, a systematic review of the literature was performed from the selection and careful reading of articles, theses and dissertations found in the databases, selecting only the literature that met the inclusion criteria defined in this study. Only the publications that answered the study question, published from 1992 to 2020, in Portuguese and English, all types of methodological designs were accepted. The results obtained from this literature search demonstrate that the knowledge of the level of genetic dissimilarity between the parents is fundamental in the exploration of heterosis. However, this should not be the only factor to be considered. The combinatorial ability of the parents is what will define the greatest heterotic gain. Studies involving several analyses simultaneously, such as morphological, biochemical and molecular analyses, are of great importance, as they allow genetic dissimilarity to be evaluated in a more efficient way, minimizing evaluation errors. Among the molecular markers, the SSRs have presented themselves as a tool of great utility in determining the genetic divergence between cultivars of white oat, with the great advantage of not suffering environmental influence. Thus, we conclude that the analysis of genetic dissimilarity is of fundamental importance in the choice of genitors in order to explore the hybrid vigor in white oat.

Keywords: Genetic distance, Heterosis, *Avena sativa* L.

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Comparação de entre Métodos de Dissimilaridade e Métodos de Agrupamento em diferentes estudos analisados sobre o tema.....	27
--	----

ABREVIATURAS

n. – número

p. – página

f. – folha

cap. – capítulo

v. – volume

org. – organizador

coord. – coordenador

col. – colaborador

LISTA DE SIGLAS

LILACS - Literatura Latino Americana e do Caribe em Ciências Sociais e da Saúde

Scielo - Scientific Eletronic Library OnLine

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	15
2 OBJETIVO	16
3 METODOLOGIA	16
3.1 Levantamento dos dados.....	17
3.2 População e amostra.....	17
3.3 Análise dos dados.....	18
4 REVISÃO DE LITERATURA	18
4.1 Aveia branca (Avena sativa L.).....	18
4.2 Melhoramento genético da aveia-branca no Brasil.....	19
4.3 Distâncias genéticas e heterose	20
4.4 Heterose, obtenção e análise do valor	21
4.5 Análise da divergência genética	24
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS	28
6 REFERÊNCIAS	29

1. INTRODUÇÃO

Atualmente, na produção agrícola brasileira, a demanda por cultivares de alta produtividade é cada vez maior, para que com isso obtenham-se produtos de boa qualidade e potencial comercialização. A aveia-branca (*Avena sativa* L.) vem apresentando uma grande importância como cultura alternativa de inverno com uma ampla área de cultivo no Brasil, principalmente na região sul do país (CRESTANI et al., 2010).

A aveia branca (*Avena sativa* L.) tem grande importância econômica no Rio Grande do Sul, destacando-se como maior produtor deste cereal no Brasil (CONAB, 2016). Além do fator econômico, a aveia também garante benefícios biológicos, pois produz uma ótima qualidade de palha, que proporciona boa cobertura do solo (MANTAI et al., 2016). Outro grande destaque no cultivo deste cereal é a rotação de culturas no período de estação fria do ano (CABRAL et al., 2002; HAWERROTH et al., 2015).

A grande adaptabilidade da aveia-branca e seus múltiplos propósitos fazem dela uma espécie de extrema importância e em constante crescimento no mercado internacional. Porém, para maximizar seus benefícios e obter lucratividade com a cultura, é necessário o conhecimento dos materiais disponíveis (CASTRO et al., 2012), por meio dos trabalhos de caracterização de germoplasma.

Germoplasma é a soma de todo material hereditário de uma espécie (ALLARD, 1960). A melhor forma de valorizar e utilizar o germoplasma é realizando a caracterização do material disponível. Nos estudos de diversidade genética são utilizados caracteres morfológicos, bioquímicos ou moleculares (CRUZ & REGAZZI, 2004). Essas informações são importantes para o conhecimento da variabilidade das populações e possibilitam o monitoramento de bancos de germoplasma, pois geram informações úteis para preservação, uso e melhoramento dos acessos (CRUZ & CARNEIRO, 2006; BERTAN et al., 2006).

Lorencetti et al. (2006) destacam que os vários passos no desenvolvimento de híbridos, como a realização de numerosos cruzamentos e a seleção de combinações com desempenho superior, podem ser facilitados pela definição da dissimilaridade genética dos genitores e, principalmente, pela interpretação dos resultados por métodos de agrupamento, reduzindo o trabalho e os custos associados.

A diversidade genética entre linhagens obtida com marcadores moleculares tem sido considerada como uma alternativa viável para predições das performances de híbridos e das heteroses dos cruzamentos. O princípio dessa técnica é a associação entre heterose e medidas indiretas de diversidade genética (isto é, diversidade morfológica, grau de parentesco e distâncias entre origens geográficas) reportadas para cruzamentos entre linhagens (HALLAUER et al., 1988).

O estudo da divergência genética através da descrição dos caracteres morfológicos é muito comum nos programas de melhoramento genético. Guimarães et al. (2007), aponta a formação de um banco de dados sobre a variabilidade genética através da caracterização morfológica dos materiais. Fato este, importante para planejar combinações a fim de explorar efeitos de heterose, aumento da variabilidade e ganhos com seleção de segregantes superiores cruzando genótipos divergentes dentro de um programa de melhoramento (BEZERRA NETO et al., 2010).

De acordo com Gaur et al. (1978), a análise multivariada pode ser empregada como uma poderosa ferramenta para estimar a dissimilaridade genética, com o intuito de auxiliar na escolha de constituições genéticas que poderão resultar, por meio de suas progênes, em recombinações superiores.

A união e análise de dados através de uma revisão sistemática de leitura a partir de experimentos distintos pode ser uma potencial ferramenta resolutive para obtenção de melhores informações sobre a dissimilaridade genética e sua associação com a heterose.

2. OBJETIVO

O objetivo desta revisão é buscar na literatura científica estudos acerca do efeito da dissimilaridade genética, sobre a heterose em aveia branca.

3. METODOLOGIA

A revisão bibliográfica, ou revisão da literatura, é a análise crítica, meticulosa e ampla das publicações correntes em uma determinada área do conhecimento (TRENTINI e PAIM, 1999).

A pesquisa bibliográfica procura explicar e discutir um tema com base em referências teóricas publicadas em livros, revistas, periódicos e outros. Busca

também, conhecer e analisar conteúdos científicos sobre determinado tema (MARTINS, 2001).

Podemos somar a este acervo as consultas a bases de dados, periódicos e artigos indexados com o objetivo de enriquecer a pesquisa. Este tipo de pesquisa tem como finalidade colocar o pesquisador em contato direto com tudo o que foi escrito, dito ou filmado sobre determinado assunto (MARCONI e LAKATOS, 2007).

Desta forma segundo os autores acima, a pesquisa bibliográfica não é apenas uma mera repetição do que já foi dito ou escrito sobre determinado assunto, mas sim, proporciona o exame de um tema sob novo enfoque ou abordagem, chegando a conclusões inovadoras.

3.1 Levantamento dos dados

A base de dados: LILACS (Literatura Latino Americana e do Caribe em Ciências Sociais e da Saúde), Scielo (Scientific Eletronic Library OnLine), Research Gate, Semantic Scholar, CABI (Cabi Direct) serviram como instrumento para coleta de dados, a partir dos seguintes descritores: Distância genética; Heterose; Aveia branca (*Avena sativa* L.).

3.2 População e amostra

A população do estudo foi composta por toda a literatura relacionada ao tema de estudo, indexada nos bancos de dados, LILACS (Literatura Latino Americana e do Caribe em Ciências Sociais e da Saúde), Scielo (Scientific Eletronic Library OnLine), Research Gate, Semantic Scholar, CABI (Cabi Direct)

Quanto à amostra, os artigos foram selecionados a partir da variável de interesse, totalizando 15 artigos.

A seleção foi realizada a partir de leitura criteriosa dos artigos, teses e dissertações encontradas nas bases de dados, sendo selecionada apenas a literatura que atendia aos critérios de inclusão definidos neste estudo, como palavras-chaves escolhidas para compor o estudo e todos os tipos de delineamentos metodológicos. Foram incluídas apenas as publicações que responderam à questão do estudo, publicadas no período de 1992 a 2020, no idioma português e inglês.

3.3 Análise dos dados

Após a coleta dos dados, foi feita a leitura de todo material, as principais informações foram compiladas. Posteriormente foi realizada uma análise descritiva das mesmas buscando estabelecer uma compreensão e ampliar o conhecimento sobre o tema pesquisado e elaborar o referencial teórico.

4. REVISÃO DE LITERATURA

4.1 Aveia branca (*Avena sativa* L.)

A aveia é uma gramínea anual pertencente à família Poaceae, tribo Aveneae e gênero *Avena*. Tal gênero compreende várias espécies silvestres, daninhas e cultivadas distribuídas em seis continentes (GUTKOSKI e PEDÓ, 2000). Embora existam muitas espécies, a aveia branca (*Avena sativa* L.) é uma das principais cultivadas (IPEA, 2018), apresentando-se em sétimo lugar na produção mundial de grãos, representando 2% do total de grãos produzidos. O Brasil é o 6º maior produtor e consumidor de aveia no mundo (USDA, 2020).

Na alimentação humana, o consumo de aveia é obtido através da ingestão de cereais matinais, pães, biscoitos, barras de cereais, granolas e alimentos infantis elaborados a partir do farelo, farinha e flocos de aveia. Seu consumo está associado às propriedades fisiológicas atribuídas, principalmente, às beta-glucanas, apresentando efeitos no colesterol sérico, na prevenção de câncer de cólon, no controle da glicemia e no tratamento para diabéticos (LAJOLO et. al, 2001 apud DE FRANCISCO; DE SÁ, 2001).

É uma espécie utilizada como alternativa às culturas de inverno e tem evidenciado um crescimento acentuado na área cultivada, principalmente pelo aproveitamento dos grãos para industrialização e comercialização e por produzir uma ótima qualidade de forragem e de palha, o que proporciona boa cobertura do solo (JACOBI & FLECK, 1998; HARTWIG et al., 2007).

Por tais características, a aveia-branca é listada entre as principais culturas de cereais no mundo (NAVA et al., 2010; BOCZKOWSKA & TARCZYK, 2013). O cultivo é mais concentrado em zonas de clima temperado e úmido na América do Norte e Europa (MURPHY & HOFFMAN, 1992).

4.2 Melhoramento genético da aveia-branca no Brasil

O melhoramento de plantas é a mais valiosa estratégia para o aumento da produtividade de forma sustentável e ecologicamente equilibrada (BORÉM, 1997).

O melhoramento da aveia-branca é voltado para o desenvolvimento de cultivares que tenham excelente qualidade industrial, rendimento de grãos superior às cultivares existentes no mercado, com características morfológicas desejáveis, como: capacidade de afilamento, estatura de planta, número de folhas formadas, área foliar, distribuição das folhas, ângulo foliar, grau de decumbência do limbo das folhas e produção de matéria seca da parte aérea (BLACKSHAW, 1994). E tolerantes a estresses bióticos e abióticos (HARTWIG et al., 2007).

No Brasil, o melhoramento da aveia é relativamente recente, se comparado com outras culturas. No Rio Grande do Sul, somente no final da década de 70 os programas de melhoramento da Universidade Federal do Rio Grande do Sul e da Universidade de Passo Fundo começaram a produzir suas próprias populações (BARBOSA NETO et al., 2000). Antes disso, as cultivares utilizadas eram provenientes do Uruguai e da Argentina e apresentavam problemas de adaptação ao ambiente de cultivo (BARBOSA NETO et al., 2000). Posteriormente, foram introduzidos germoplasmas da Universidade de Wisconsin, o que permitiu o lançamento de cultivares melhoradas (FEDERIZZI et al., 1997). Os avanços obtidos possibilitaram aumentos significativos no rendimento da cultura, aliada a boa qualidade do produto (FEDERIZZI et al., 2005).

Com isso, a aveia passou a ocupar um espaço importante e promissor no sistema de produção de grãos do Sul do Brasil. Dados estatísticos revelam que a área semeada em 2009 atingiu aproximadamente 126,4 mil hectares e uma produção de 244,1 mil toneladas (CONAB, 2009). Na safra 2010 a aveia atingiu o oitavo lugar na classificação brasileira das culturas com maior produção de grãos (CONAB, 2010).

A grande adaptabilidade da aveia-branca e seus múltiplos propósitos fazem dela uma espécie de extrema importância e em constante crescimento no mercado internacional. Porém, para maximizar seus benefícios e obter lucratividade com a cultura, é necessário o conhecimento dos materiais disponíveis (CASTRO et al., 2012), por meio dos trabalhos de caracterização de germoplasma. Em um programa

de melhoramento genético, é importante que o melhorista conheça o germoplasma disponível (VIERA et al., 2005).

4.3 Distâncias genéticas e heterose

Distâncias genéticas entre populações, indivíduos ou linhagens, estimadas a partir de ancestrais comuns, de marcadores bioquímicos ou de DNA, têm sido amplamente utilizadas em análises descritivas de plantas, para a reconstrução da história do melhoramento, descrição dos padrões de diversidade genética, alocação de grupos heteróticos ou outros grupos biológica ou economicamente importantes (Cheres et al., 2000). O reconhecimento e a exploração de padrões heteróticos entre grupos de germoplasma geneticamente divergentes são fundamentais no melhoramento de híbridos (Hallauer et al., 1988).

As distâncias euclidianas média padronizada e generalizada de Mahalanobis entre os pares de genótipos são amplamente utilizadas como medida de dissimilaridade nos métodos de agrupamento.

A distância euclidiana é a medida mais rotineiramente reconhecida, muitas vezes chamada de distância em linha reta. A principal limitação desta abordagem é de não levar em consideração a correlação entre os caracteres estudados, além de sofrer alteração com a mudança de escala das medidas utilizadas e com o número de caracteres analisados. Assim, como alternativa, pode-se padronizar os dados, contornando o inconveniente referente as escalas e, utilizar a distância euclidiana média para resolver o problema envolvido com o número de caracteres (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A segunda oferece a vantagem de levar em consideração a existência de correlações entre os caracteres analisados por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais, porém, necessita de experimentos com repetições (CRUZ & REGAZZI, 1997; CRUZ & CARNEIRO, 2003).

Segundo Hair Jr. et al. (2009), a distância de Mahalanobis (D^2) é uma medida generalizada de distância que explica as correlações entre as variáveis de maneira ponderada entre elas. Quando se dispõe de vários caracteres, a distância pode ser estimada a partir das médias originais e da matriz de covariâncias residuais, ou por meio de dados padronizados (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A utilização de uma ou outra técnica vai ao encontro dos objetivos do pesquisador e da situação em que os experimentos foram conduzidos. CRUZ (1990), recomenda a utilização da distância Euclidiana e análise de componentes principais em experimentos que não contemplam repetição, por ser difícil a quantificação da influência do ambiente que atua sobre as constituições genéticas.

Estas técnicas são recomendadas para a avaliação de acessos em bancos de germoplasma, onde o número considerável de genótipos inviabiliza a utilização de delineamento experimental. Entretanto, a distância generalizada de Mahalanobis e variáveis canônicas podem ser estimadas apenas quando o delineamento experimental contempla repetição, permitindo a quantificação dos efeitos do ambiente sobre as constituições genéticas. Desta forma, fica explícito que a distância Euclidiana e componentes principais possibilitaram inferências sobre a dissimilaridade fenotípica, enquanto a distância generalizada de Mahalanobis e variáveis canônicas quantificaram a dissimilaridade genética, fator este provavelmente responsável pelas diferenças observadas entre as técnicas avaliadas.

4.4 Heterose: obtenção e análise do valor

Uma forma de obtenção de materiais promissores no melhoramento genético é o desenvolvimento de um processo de hibridação partindo da avaliação prévia do germoplasma disponível, quanto à capacidade geral e específica de combinação para os diferentes caracteres da espécie. Desse modo, pode-se usar a variabilidade genética mais eficientemente, determinando-se a magnitude dos efeitos heteróticos (FONTES, 2001).

Assim, a importância do estudo da heterose e da capacidade combinatória cresce no melhoramento de plantas e animais, sendo especialmente proveitoso em conexão com o estabelecimento de ensaios que objetivem comparar o comportamento de linhagens em combinações híbridas e o comportamento dos próprios híbridos. Kumar (1999) afirma que a heterose pode ser estimada antes da realização dos cruzamentos, o que reduz consideravelmente o número de cruzamentos a serem executados e as progênies a serem avaliadas.

A heterose é o incremento de vigor de uma planta oriunda de um cruzamento, de tal modo que se diferencie da média dos pais. Pode ser observada em vários

caracteres como altura da planta, produtividade, até outras menos evidentes, como tamanho de células, vigor e competitividade.

A heterose se manifesta quando o caráter avaliado no híbrido é maior (heterose positiva) ou menor (heterose negativa) do que a média dos genitores. Do ponto de vista aplicado, é mais comum o cálculo da heterose em relação ao genitor superior (heterobeltiose) ou a uma cultivar de importância econômica (heterose-padrão).

A quantidade de heterose produzida em um cruzamento entre dois genitores depende da diferença da frequência gênica entre os mesmos para os locos envolvidos na expressão de uma determinada característica. Não havendo esta diferença, não ocorrerá heterose. Se esta diferença existir em mais de um loco, os valores individuais de cada um destes locos se combinarão aditivamente e a heterose produzida poderá ser representada pelo efeito conjunto de todos os locos como a soma de suas contribuições separadas. Para que ocorra heterose é necessário que exista dominância, pois locos sem dominância não geram heterose. Se alguns locos forem dominantes em uma direção e outros em outra, seus efeitos tenderão a se cancelar e nenhuma heterose poderá ser observada, apesar da dominância nos locos individuais (Falconer, 1987).

A manifestação de heterose nos híbridos depende de genes com algum grau de dominância (parcial, completa ou sobredominância) e também das diferenças entre frequências gênicas nas populações genitoras (Miranda Filho e Viégas, 1987).

A heterose pode ser obtida de três formas, como:

Heterose tradicional: diferença no valor de F1 menos a média dos pais.

$$h (\%) = F1 - \frac{P1 + P2}{2} \times 100$$

Heterobeltiose: é heterose estimada em relação ao melhor parental (MP).

$$\text{Heterobeltiose } (\%) = F1 - \frac{F1 - MP}{MP} \times 100$$

Heterose padrão: é a heterose estimada em relação a um cultivar padrão (CP).

$$\text{Heterose padrão } (\%) = \frac{F1 - CP}{CP} \times 100$$

Em que:

F1 = Média da população 1;

P1 = Progenitor Homozigoto 1;

P2 = Progenitor Homozigoto 2;

MP = Melhor parental;

CP = Cultivar padrão;

A explicação do tipo de ação gênica responsável pela heterose ainda é controversa entre especialistas. Existem duas teorias mais comumente citadas para explicar a heterose.

Teoria da dominância: proposta por Bruce (1910). Heterose é devida a existência de dominância parcial ou total nos genes envolvidos e que o acúmulo de heterozigotos de F1 explicaria a heterose.

	AA BB CC dd	+	aa bb cc DD
Valor	10+12+10+5 = 37		5 + 7 + 8 + 10 = 30
F1	Aa Bb Cc Dd		
Valor	10+12+10+10 = 42		

Teoria da sobredominância: proposta por Shull (1908). Heterose ocorre porque o heterozigoto adquire um valor acima de qualquer dos homozigotos.

	AA BB CC dd	+	aa bb cc DD
Valor	10+12+10+5 = 37		5 + 7 + 8 + 10 = 30
F1	Aa Bb Cc Dd		
Valor	11+13+11+11 = 46		

Ocorre quando o heterozigoto expressa o fenótipo mais intensamente que qualquer um dos homozigotos parentais. São muitos os casos em que se

detectaram a ação gênica da dominância, e muitos poucos casos da ocorrência de sobredominância.

Para que haja sobredominância não é necessário que os produtos gênicos do heterozigoto excedam em quantidade ou variedade aqueles de ambos os homozigotos. O efeito do heterozigoto pode ser intermediário aos dois homozigotos, em termos do produto gênico imediato, e mesmo assim resultar em um produto final maior ou melhor. Uma forma de ação que parece mais provável para explicar a ocorrência da sobredominância é aquela na qual os dois alelos diferem qualitativamente ou cada um deles produz algo que o outro não produz.

4.5 Análise da divergência genética

Diversas técnicas de biologia molecular estão disponíveis para detecção da diversidade e do polimorfismo genético. Uma delas é a análise do conteúdo de informação polimórfica (Polymorphic Information Content - PIC), descrita por Botstein et al. (1980), que indica a qualidade do marcador em estudos genéticos.

As análises de divergência genética e os métodos de agrupamento podem ser utilizados simultaneamente para avaliar as distâncias genéticas dos materiais estudados. O agrupamento procura discriminar geneticamente os indivíduos e, permite separá-los em grupos pela análise de um conjunto de características inerentes a cada indivíduo, agrupando-os por algum critério de classificação (CRUZ & CARNEIRO, 2006), de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ & REGAZZI, 2004; BERTAN et al., 2006).

Para caracterizar e avaliar a diversidade genética em variedades crioulas e comerciais de aveia Montilla-Bascón et al. (2013) utilizaram o índice de Dice e o método de agrupamento UPGMA. Marchioro et al. (2003) utilizaram o método de agrupamento Tocher para avaliação da divergência genética entre genótipos de aveia, e Ribeiro et al. (2011) agruparam as cultivares utilizando simultaneamente os métodos UPGMA e Tocher, o que possibilitou evidenciar a variabilidade entre genótipos de trigo. Montilla-Bascón et al. (2013) utilizaram o índice de Dice e a análise de agrupamento pelo método UPGMA e conseguiram agrupar 141 cultivares de aveia-branca em quatro grupos principais.

O método de agrupamento de Tocher adota o critério de otimização, minimizando a distância média dentro do grupo e maximizando a distância média entre os grupos (SILVA et al., 2013). Esse método foi utilizado com eficiência por Marchioro et al. (2003), que avaliaram a divergência genética entre 18 genótipos de aveia-branca, o que possibilitou a separação em sete grupos.

Os marcadores morfológicos são a classe de marcadores tradicionalmente utilizada na caracterização de cultivares e tem sua importância reconhecida. No entanto, apresentam algumas limitações principalmente pelo efeito do ambiente, não sendo estáveis, além de muitos serem avaliados nas plantas adultas, o que requer tempo e espaço físico para as avaliações (VIEIRA, 2004).

Marcadores moleculares do tipo microsatélite (Simple Sequence Repeats - SSR) são muito utilizados na exploração dos recursos genéticos (HOSBINO et al., 2002; VARSHNEY et al., 2005; BOCZKOWSKA & TARCZYK, 2013). A análise com microsatélites é realizada por meio da técnica de PCR (Polymerase Chain Reaction) utilizando oligonucleotídeos iniciadores (primers) complementares (18 a 25 bases) às regiões que os flanqueiam (HOSBINO et al., 2002). Várias coleções de aveia por todo mundo foram descritas com marcadores microsatélites (LI et al., 2000; HANIF et al., 2008; BOCZKOWSKA & TARCZYK, 2013; NIKOLOUDAKIS et al., 2015; DUMLUPINAR et al., 2016).

Em relação aos caracteres fenotípicos, os marcadores moleculares apresentam a vantagem de não sofrerem influência do ambiente, pois detectam variações de sequências de DNA entre as cultivares e, portanto, ignoram os problemas diretamente ligados com efeitos ambientais (MARIC et al., 2004).

De modo geral, os resultados dos métodos de agrupamentos evidenciaram que os marcadores SSR foram eficientes na investigação da diversidade genética entre as cultivares de aveia-branca.

A diversidade genética pode ser avaliada de forma simultânea em relação às várias características, e para isso recomenda-se a utilização de medidas de dissimilaridade (Cruz & Carneiro, 2003). Uma forma prática e eficiente de se obter essas medidas é por meio da análise de agrupamentos (ou análise de cluster), a qual tem por finalidade reunir os indivíduos em grupos, de forma que exista a máxima homogeneidade dentro do grupo e a máxima heterogeneidade entre os grupos (Johnson & Wichern, 1992; Cruz & Regazzi, 2001). Dos métodos de

agrupamento, os mais utilizados são os de otimização e os hierárquicos (Cruz et al., 2011).

Como citados anteriormente, há diversos métodos que podem ser aplicados no estudo da divergência, como métodos de agrupamento, otimização como “Tocher”, assim a escolha baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, na facilidade da análise e na forma como os dados foram obtidos (BEZERRA NETO et al., 2010). O conhecimento sobre os níveis de variabilidade genética no germoplasma de uma espécie é de grande importância (HOSBINO et al., 2002).

Entretanto, nenhuma análise sozinha pode dar todas as informações necessárias na caracterização de cultivares. É interessante utilizar tanto a caracterização morfológica, quanto a molecular, simultaneamente, a fim de obter conhecimento sobre as diferenças entre os materiais (KHOUFI et al., 2012).

A avaliação da divergência genética é muito utilizada pelos melhoristas de grandes culturas, para a seleção de parentais. Esse método visa selecionar aqueles materiais mais promissores, diminuindo os gastos e o tempo necessário para a realização de várias combinações híbridas, muitas vezes desnecessárias. Os esforços são, portanto, concentrados naquelas combinações provenientes entre os materiais mais divergentes (RINALDI et al., 2007). A partir das análises feitas dos 15 trabalhos, foi elaborada uma tabela para comparação entre os Métodos de Dissimilaridade e Métodos de Agrupamento (Tabela1).

Tabela 1 – Comparação de entre Métodos de Dissimilaridade e Métodos de Agrupamento em diferentes estudos analisados sobre o tema.

Trabalhos	Métodos de Dissimilaridade	Métodos de Agrupamento
AQUINO, C. F. et al.	Distância de Mahalanobis	Método de Tocher UPGMA
BENIN, G. et al.	Distância Euclidiana Distância de Mahalanobis	-
COLOMBARI FILHO, et. al.	Distância Genética	-
FARIA, P. N.	Distância Euclidiana	UPGMA
KLEIN, L. A. et al.	Distância de Mahalanobis	UPGMA

LORENCETTI, C. et al.	Distância de Mahalanobis	UPGMA
LUZ, O. dos S. L.	Distância Euclidiana	Método de Tocher UPGMA
MARCHIORO, V. S. et al.	Distância de Mahalanobis	Método de Tocher
MENDES, G. G. C, et al.	Distância Euclidiana	Método de Tocher UPGMA
MENEZES, I. P. P. de et. al.	-	UPGMA
NASCIMENTO, M. F.	Distância Euclidiana	Método de Tocher
SCHAFASCHECK, L.	Distância de Mahalanobis	UPGMA
SANTOS, A. A. B. dos et. al.	Variáveis Multicategóricas (dii')	Método de Tocher UPGMA
SIMON, G. A. et al.	Distância de Mahalanobis	UPGMA
VIEIRA, E. A. et. al.	Distância Genética	UPGMA

Fonte: Elaborado pelo autor.

Os trabalhos utilizados (Artigos, Teses, Dissertações) para elaboração do estudo, evidenciaram o maior uso de Métodos de Dissimilaridade pela Distância de Mahalanobis composta por sete (7) trabalhos, cinco (5) deles pela Distância Euclidiana, sendo um (1) deles, utilizado juntamente com a Distância de Mahalanobis. Os dois (2) trabalhos restantes, utilizaram a distância genética padrão.

Em relação aos Métodos de Agrupamento, dentre os 15 analisados, onze (11) dos mesmos, utilizaram o Método de Agrupamento UPGMA como critério de análise, enquanto que apenas seis (6) dos trabalhos, utilizaram o Método de Tocher nas análises. Quatro (4) dos trabalhos realizaram uma análise utilizando os dois métodos simultaneamente com Método de Tocher e UPGMA.

5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O conhecimento do nível de dissimilaridade genética entre os parentais é fundamental na exploração da heterose. No entanto, este não deve ser o único fator a ser considerado. A capacidade combinatória dos genitores é que irá definir o maior

ganho heterótico. Estudos envolvendo várias análises simultaneamente como, análises morfológicas, bioquímicas e moleculares, apresentam grande importância, pois, permitem avaliar a dissimilaridade genética de forma mais eficaz, minimizando os erros de avaliação. Entre os marcadores moleculares destaque para os SSRs tem se apresentado como uma ferramenta de grande utilidade na determinação da divergência genética entre cultivares de aveia branca, com a grande vantagem de não sofrerem influência ambiental.

REFERÊNCIAS

ABASTECIMENTO, C. N. de. **Boletim Março**. 2011. Disponível em: https://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/11_03_10_09_03_02_boletim_marco-11%5b1%5d.pdf. Acesso em: 22 set. 2021.

AQUINO, C. F.; SALOMÃO, L.C.C.; AZEVEDO, A. M. Genetic dissimilarity and relative importance of characteristics in banana cultivars through multivariate analysis. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, [S.L.], v. 12, n. 4, p. 399-404, 30 dez. 2017. <http://dx.doi.org/10.5039/agraria.v12i4a5465>.

BARBOSA, A. M. M.; **Distâncias genéticas entre linhagens e correlações com as performances de híbridos simples de milho, utilizando marcadores AFLP e SSR**. 2001. 93 f. Tese (Doutorado) - Curso de Agronomia, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - Usp, Piracicaba, 2001.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G. da; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12, p. 279-286, 2006.

BEZERRA NETO, F. V. et al. Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 2, p. 294-299, 2010.

BLACKSHAW, R.E. Differential competitive ability of winter wheat cultivars against downy brome. **Agronomy Journal**, Madison, v.86, n.4, p.649-654, 1994.

BOCZKOWSKA, M.; TARCZYK, E. Genetic diversity among Polish landraces of common oat (*Avena sativa* L.). **Genetic Resources Crop Evolution**, Dordrecht, v. 60, p. 2157-2169, 2013.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. 20^a ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. 547 p.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLMICK, H. et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. **American Journal of Human Genetics**, v.32, p.314-331, 1980.

CASTRO, G. S. A.; COSTA, C. H. M.; NETO, J. F. Ecofisiologia da aveia branca. **Scientia Agraria Paranaensis**, Cascavel, v. 11, p. 1-15, 2012.

CHERES, M. T.; MILLER, J. F.; CRANE, J. M.; KNAPP, S. J. Genetic distance as a predictor of heterosis and hybrid performance within and between heterotic groups in sunflower. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, p. 889-894, 2000.

COLOMBARI FILHO, J. M. et. al. Heterose e distâncias genéticas moleculares para a produção de Grãos em Soja. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 4, p. 940-945, ago. 2010.

CRESTANI, M. et al. Conteúdo de β -glucana em cultivares de aveia-branca cultivadas em diferentes ambientes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, p. 261-268, mar. 2010. Disponível em: http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S010004X2010000300005&lng=en&nrm=iso. Acesso em: 11 jul. 2021.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agronomia Luiz de Queiroz.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 585 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 480 p.

DE MORI, C.; FONTANELI, R. S.; SANTOS, H. P. dos. Aspectos econômicos e conjunturais da cultura da aveia. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2012. 26 p. html. (Embrapa Trigo. Documentos Online, 136). Disponível em: <http://www.cnpt.embrapa.br/biblio/do/p_do136.htm>.

DUMLUPINAR, Z.; JELLEN, E. N.; BONMAN, J. M.; JACKSON, E. W. Genetic diversity and crown rust resistance of oat landraces from various locations throughout Turkey. **Turkish Journal Agriculture Forestry**, Ancara, v. 40, p. 262-268, 2016.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária, 1987. 279p.

FARIA, P. N. **Avaliação de métodos para determinação do número ótimo de clusters em estudo de divergência genética entre acessos de pimenta**. 2009. 54 f. Tese (Doutorado) - Curso de Programa de Pós-Graduação em Estatística Aplicada e Biometria, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.

FEDERIZZI, L. C.; MILACH, S. C. K.; BARBOSA NETO, J. F.; PACHECO, M. T. Melhoramento genético de trigo e aveia no Brasil. In: SIMPÓSIO SOBRE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 1997, **Anais...** Lavras: UFL, 1997. p. 127-146.

FEDERIZZI, L. C.; MILACH, S. C. K.; PACHECO, M. T.; BARBOSA NETO, J. F.; SERENO, M. J. C. M. Melhoramento da aveia. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2ed. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 141-169.

FONTES, J. R. M. Heterose, capacidade combinatória e divergência genética estimada por análise de marcadores RAPD em cruzamentos entre cafeeiros Catuaí (*Coffea arabica* L.) e híbrido de timor. 2001. 148 f. Tese (Doutorado) - Curso de Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2001.

GAUR, P. C.; GRUPTA, P. K.; KISHORI, H. Studies on genetic divergence in potato. **Euphytica**, Wageningen, v. 27, p. 316-368, 1978.

GUIMARÃES, W. N. R. et al. Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 11, n. 1, p. 37- 45, 2007.

GUTKOSKI, L. C.; PEDÓ, I. **Aveia: composição química, valor nutricional e processamento**. São Paulo: Varela, 2000. 191 p.

HAIR JR. et al. **Análise multivariada de dados**. 6 ed. São Paulo: Bookman, 2009. 688p.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA, J. B. **Quantitative genetics in maize breeding**, 2. ed. Ames: Iowa State University Press, p. 468, 1988.

HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G. da; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; BERTAN, I.; VALÉRIO, I. P.; SILVA, G. O. da; RIBEIRO, G.; FINATTO, T.; SILVEIRA, G. Variabilidade fenotípica de caracteres adaptativos da aveia branca (*Avena sativa* L.) em cruzamentos dialélicos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 37, p. 337-345, 2007.

HOSBINO, A. A.; PALMIERI, D. A.; BRAVO, J. P.; PEREIRA, T. E. B.; LOPES, C. R.; GIMENES, M. A. Marcador microssatélite na conservação de germoplasma vegetal. **Biociência**, Uberlândia, v. 29, p. 146-150, 2002.

IPEA. **Barreiras fitossanitárias sobre as importações no Brasil: o caso da aveia.** Brasília, 2018. Disponível em: <http://repositorio.ipea.gov.br/bitstream/11058/9480/1/Barreiras_fitossanitarias%20sobre%20as%20importa%20a7%20b5es%20no%20Brasil_o%20caso%20da%20aveia.pdf>. Acesso: 28 ago. 2021.

JACOBI, U. S.; FLECK, N. G. **Avaliação do potencial alelopático de genótipos de aveia no final do ciclo.** Planta Daninha, Viçosa, v. 16, p. 187-207, 1998.

JOHNSON R. A.; WICHERN D. W. Applied Multivariate Statistical Analysis. New Jersey: Englewood Cliffs. 642 p., 1992.

KHOUI, S.; KHAMASSI, K.; SILVA J. A. T. da; CHAABANE R.; NACEUR, M. B. B. Morphological and molecular characterization of six of the most frequently cultivated hard wheat varieties in Tunisia. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, Ebene, v. 4, p. 106-114, 2012.

KUMAR, L.S. DNA markers in plant improvement: an overview. **Biotechnology Advances**, v.17, p.143-182, 1999.

LAJOLO, F. M. et. al. In: **Fibra dietética en iberoamérica: Tecnología y Salud.** Eds. Livraria Varela, p 91-101, 2001.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F. I. F.; MARCHIORO, V. S.; BENIN, G.; OLIVEIRA, A. C.; FOSS, E. L. Implicações da aplicação de fungicida na adaptabilidade e estabilidade de rendimento de grãos em aveia branca. **Ciência Rural**, v.34, n.3, p.693-700, 2004.

MARCONI, M. de A.; LAKATOS, E. M. **Metodologia do trabalho científico.** São Paulo: Editora Atlas, 1992. 4ª ed. p.43 e 44.

MARCHIORO, V. S.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; KUREK, A. J.; LORENCETTI, C.; SILVA, J. A. G.; CARGNIN, A. Estratégias para a modificação do

potencial de rendimento de grãos em genótipos de aveia: época de semeadura e aplicação de fungicida. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 8, p. 13-17, 2001.

MARIC, S.; BOLARÍC, S.; MARTINCIC, J.; PEJÍC, I.; KOZUMPLINK, V. Genetic diversity of hexaploid wheat cultivars estimated by RAPD markers, morphological traits and coefficients of parentage. **Plant Breeding**, Berlin, v. 123, p. 366-369, 2004.

MARTINS, G. A. & Pinto, R. L. **Manual para elaboração de trabalhos acadêmicos**, São Paulo: Atlas, 2001.

MENDES, G. G. C.; OLIVEIRA, M. do S. P. de. **Dissimilaridade genética entre genótipos de Tucumanzeiro selecionados para alto teor de óleo na polpa por caracteres de cacho**. In: ENCONTRO AMAZÔNICO DE AGRÁRIAS, 8., 2016, Belém, PA. Anais... Belém, PA: [s.n.], 2016. p. 47-52. Livro VII - Melhoramento genético.

MONTILLA-BASCÓN, G.; SÁNCHEZ-MARTÍN, J.; RISPAIL, N.; RUBIALES, D.; MUR, L.; LANGDON, T.; GRIFFITHS, I.; HOWARTH, C.; PRATS, E. Genetic diversity and population structure among oat cultivars and landraces. **Plant Molecular Biology Reporter**, Athens, v. 31, p. 1305-1314, 2013.

MURPHY, J. P.; HOFFMAN, L. A. Origin, history and production of oat. In: MARSHALL, H. G.; SORRELS, M. E. (Eds.) **Oat science and technology**. Madison: Crop Science Society of American, 1992. p. 1-28.

NASCIMENTO, M. F. **Diversidade genética e estudo de geração em características morfoagronômicas de pimenteiras ornamentais (Capsicum annum)**. 2014. 83 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2014.

NAVA, I. C.; DUARTE, I. T. DE L.; PACHECO, M. T.; FEDERIZZI, L. C. Genetic control of agronomic traits in an oat population of recombinant lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 10, p. 305-311, 2010.

NIKOLOUDAKIS, N.; BLADENOPOULOS, K.; KATSIOTIS, A. Structural patterns and genetic diversity among oat (*Avena*) landraces assessed by microsatellite markers and morphological analysis. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, p. 1-11, 2015.

RIBEIRO, C. Z.; PINTO, R. J. B.; FRANCO, F. A.; MARCHIORO, V. S.; SCHUSTER, I.; VIEIRA, E. S. N. Análise dialéctica e uso de marcadores microssatélites na avaliação de cultivares de trigo. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 41, p. 1732-1737, 2011.

RINALDI, Danilo Antonio *et al.* Correlação entre heterose e divergência genética estimadas por cruzamentos dialécticos e marcadores moleculares RAPD em populações de milho-pipoca. **Bragantia**, [s. l], v. 66, n. 2, p. 183-192, 2007.

SÁ, R. M. de et al. Variação no conteúdo de beta-glucanas em cultivares brasileiros de aveia. **Sociedade Brasileira de Ciência e Tecnologia de Alimentos**, [S.L.], v. 20, n. 1, p. 99-102, abr. 2000. FapUNIFESP (SciELO). <http://dx.doi.org/10.1590/s0101-20612000000100019>.

SCHAFASCHECK, L. **Dissimilaridade genética, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de trigo**. 2015. 79 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Estadual de Ponta Grossa, Ponta Grossa, 2015.

SILVA, A. R.; DIAS, C. T. dos S. A cophenetic correlation coefficient for Tocher's method. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 48, n. 6, p. 589-596, 2013.

SIMON, G. A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. **Semina: Ciências Agrárias: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 2, p. 449-458, 15 maio 2012. <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n2p449>.

TRENTINI, M.; PAIM, L. **Pesquisa em Enfermagem. Uma modalidade convergente-assistencial.** Florianópolis: Editora da UFSC, 1999.

USDA. **Grain: World Markets and Trade. United States Department of Agriculture,** 2020. Disponível: <<https://downloads.usda.library.cornell.edu/usda-esmis/files/zs25x844t/j3860r71x/7h14b7488/grain.pdf>>. Acesso: 16 ago. 2021.

VARSHNEY, R. K.; GRANER, A.; SORRELLS, M. E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **Trends Biotechnology**, Amsterdam, v. 23, p. 48-55, 2005.

VIEIRA, E. S. N. **Marcadores morfológicos, bioquímicos e moleculares na caracterização de cultivares de soja e café.** 2004. 151 f. Tese (Doutorado) - Curso de Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

VIEIRA, E. A.; CARVALHO, F. I. F. de; OLIVEIRA, A. C. de; BENIN, G.; ZIMMER, P. D.; SILVA, J. A. G. da; MARTINS, A. F.; BERTAN, I.; SILVA, G. O. da; SCHMIDT, D. A. M. Comparação entre medidas de distância genealógica, morfológica e molecular em aveia em experimentos com e sem a aplicação de fungicida. **Bragantia**, Campinas, v. 64, p. 51-60, 2005.